(19) 世界知的所有権機関 国際事務局



(43) 国際公開日 2004 年9 月2 日 (02,09,2004)

PCT

(10) 国際公開番号 WO 2004/074478 A1

(51) 国際特許分類7:

C12N 15/10

(21) 国際出願番号:

PCT/JP2004/001419

(22) 国際出願日:

2004年2月10日(10.02.2004)

(25) 国際出願の言語:

日本語

(26) 国際公開の言語:

日本語

(30) 優先権データ:

特願2003-041790 2003年2月19日(19.02.2003) JP

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 藤沢 薬品工業株式会社 (FUJISAWA PHARMACEUTICAL CO., LTD.) [JP/JP]; 〒5418514 大阪府大阪市中央区道 修町三丁目 4番 7号 Osaka (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 笹川 由香 (SASAKAWA, Yuka) [JP/JP]; 〒5418514 大阪府大阪市中央区道修町三丁目 4番7号 藤沢薬品工業株式会社内 Osaka (JP). 直江吉則 (NAOE, Yoshinori) [JP/JP]; 〒5418514 大阪府大阪市中央区道修町三丁目 4番7号 藤沢薬品工業株式会社内 Osaka (JP).

(74) 代理人: 高島 — (TAKASHIMA, Hajime); 〒5410044 大阪府大阪市中央区伏見町四丁目 2番 1 4 号 藤村 大和生命ビル Osaka (JP).

- (81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.
- (84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

一 国際調査報告書

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: METHOD OF ESTIMATING ANTITUMOR EFFECT OF HISTONE DEACETYLASE INHIBITOR

(54) 発明の名称: ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果の予測方法

(57) Abstract: In order to provide a gene useful in estimating drug effects (in particular, an antitumor effect) of a histone deacetylase inhibitor on tumor to be treated, it is intended to provide a method of obtaining a gene which is likely usable as an indication in estimating the drug effects of the histone deacetylase inhibitor, at least comprising: (1) the step of classifying tumor cells into histone deacetylase inhibitor-sensitive tumor cells and resistant tumor cells; and (2) the step of examining the gene expression manner in each of the sensitive tumor cells and the resistant tumor cells and selecting (i) a gene which is highly expressed in the resistant tumor cells but less expressed in the resistant tumor cells, or (ii) a gene which is highly expressed in the resistant tumor cells but less expressed in the sensitive tumor cells.

(57) 要約: 治療を所望する腫瘍に対するヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効、特に抗腫瘍効果を予測するのに有用な遺伝子を提供するため、少なくとも、①腫瘍細胞を、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤感受性腫瘍細胞と抵抗性腫瘍細胞とに分類する工程、および②感受性腫瘍細胞ならびに抵抗性腫瘍細胞のそれぞれにおいて、その遺伝子発現様式を調べて、(i)感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、あるいは(ii)感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子を選択する工程を含むヒストンデアセチラーゼ阻害が削め薬効予測の指標となり得る遺伝子を得る方法を提供する。



明細書

ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果の予測方法

技術分野

本発明は、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効、具体的には抗腫瘍効果を予 5 測するのに有用な遺伝子を得る方法、ならびに当該遺伝子の発現様式を調べるこ とを含む該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効(抗腫瘍効果)を予測する方法 に関する。

背景技術

近年、患者の個人差を考慮した「オーダーメイド医療」が重要視され、薬剤が 30 効く癌、効かない癌を識別するためのマーカー探索が必要とされている。これは、 薬剤が効くという可能性をあらかじめ検証してから患者に投薬することによって、 薬剤の奏効率をあげるとともに毒性を回避し、無意味な薬剤使用を抑制すること で倫理的・医療的に薬剤治療のコストパフォーマンスを上昇させる試みである。 また、癌治療においては、基礎研究と臨床の間の溝を埋める重要な手段となりう 3 ため、抗癌剤の薬効を予測する方法の開発が望まれていた。

例えば、式(I)

で表される化合物 (以下、化合物 A とも称する;配列表配列番号1)、特に式 (II)

で表される立体異性体 (FK 2 2 8) が、ヒストンデアセチラーゼ阻害作用を有し、強力な抗腫瘍活性を誘導することが報告されている (例えば特公平7-64872号公報、「エクスペリメンタル セル リサーチ(Experimental Cell Research)」, (米国), 1998年, 第241号, p. 126-133参照)。しかしながら、該化合物の抗腫瘍効果を予測できる因子を立証した報告はなく、インビトロでの結果がそのままインビボでも適用できるのか否か、どの腫瘍に対してもインビボで有用な効果を示すのか否か、等解決すべき点が多く残されているのが現状である。

10 発明の開示

本発明の目的は、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤、特に強力なヒストンデアセチラーゼ阻害作用を有することが知られている化合物 A の薬効を予測するのに有用な、薬効予測の指標となり得る遺伝子を得る方法ならびに、該遺伝子の発現様式を調べることを特徴とする当該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効を予測す 15 る方法を提供することにある。

本発明者らは、上記問題を解決するために鋭意研究を行った結果、腫瘍の種類によって、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果が変動すること、さらに当該変動がある特定の遺伝子や蛋白質の発現様式の変化に連動して観察されることを見出し、これらの特定の遺伝子(タンパク質)を同定し、また腫瘍における、20 これらの遺伝子の発現様式を観察し、かかる観察をもとにヒストンデアセチラー

ゼ阻害剤の薬効を予測または評価する方法を見出して本発明を完成するに至った。 すなわち本発明は以下の通りである。

- (1) ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効予測の指標となり得る遺伝子を得る 方法であって、少なくとも、
- 5 ①腫瘍細胞に対して、インビボにおけるヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を調べ、当該腫瘍細胞について、該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤に対して感受性を有する細胞種(感受性腫瘍細胞)と抵抗性を有する細胞種(抵抗性腫瘍細胞)とに分類する工程、および
- ②上記工程①で分類された感受性腫瘍細胞ならびに抵抗性腫瘍細胞のそれぞれに 10 おいて、その遺伝子発現様式を調べて、さらに
 - (i) 感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、あるいは
 - (i i) 感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子を選択する工程
- 15 を含む方法。
 - (2) ヒストンデアセチラーゼ阻害剤が、以下の化学式(I):

で表される化合物であるかまたはその医薬上許容し得る塩である、(1)に記載の方法。

20 (3) 腫瘍細胞が前立腺癌、胃癌、または腎臓癌由来のものである、(1) または

- (2) に記載の方法。
- (4)(1)の方法で得られた少なくとも1つの遺伝子の発現量を、少なくとも1種の腫瘍細胞において調べることを特徴とする、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を予測する方法。
- 5 (5) ヒストンデアセチラーゼ阻害剤が、以下の化学式(I):

で表される化合物であるかまたはその医薬上許容し得る塩である、(4)に記載の方法。

- (6) 少なくとも1つの遺伝子が、感受性細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発 10 現が低い遺伝子である、(4) または(5) に記載の方法。
 - (7) 少なくとも1つの遺伝子が、感受性細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子である、(4) または(5) に記載の方法。
- (8) (1)に記載の方法で得られた少なくとも1つの感受性細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、および少なくとも1つの感受性細胞で発現が15 低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子の発現量を、少なくとも1種の腫瘍細胞において調べることを特徴とする、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を予測する方法。
 - (9) 腫瘍細胞が前立腺癌、胃癌、または腎臓癌由来のものである、 $(4) \sim (8)$ のいずれかに記載の方法。

図面の簡単な説明

図1は、FK228のヒト前立腺癌((a); PC-3) および腎臓癌((b); A CHN) に対する抗腫瘍効果を示すグラフである。縦軸は腫瘍増殖率を、横軸は初回投与後の経過日数を示している。腫瘍増殖率は、Day 0における腫瘍体積を1としたときの、それ以後の腫瘍体積の相対的割合で表した。

5 発明の詳細な説明

本発明は、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効、特に抗腫瘍効果を予測する 指標となる遺伝子を得る方法を提供する。かかる方法により得られる遺伝子の腫 瘍細胞における発現様式を解析することにより、該ヒストンデアセチラーゼ阻害 剤がその治療に有用であるか否か、あるいは対象とする癌が該ヒストンデアセチ ラーゼ阻害剤に有効であるか否か等の情報を得ることができ、「オーダーメイド医 療」に貢献することが可能となる。また、標的とする腫瘍細胞において抗腫瘍効 果を発揮することができるヒストンデアセチラーゼ阻害剤を、実際に人体に投与 することなく見出すことが可能となる。

「ヒストンデアセチラーゼ阻害剤」とは、ヒストンデアセチラーゼの活性部位とに基質と競合して結合する化合物、またはヒストンデアセチラーゼの活性部位とは別の部位に結合してヒストンデアセチラーゼの酵素活性を変える作用を有する化合物を意図し、既にヒストンデアセチラーゼ阻害剤として、その用途が公知の化合物を含め、ヒストンデアセチラーゼ阻害活性を有することが報告されている全ての化合物(合成、天然を問わない)ならびに今後報告されるであろう全ての化合物を含む。具体的には、上述の化合物Aまたはその塩やその誘導体(例えば、化合物Aをアセチル化したものやSーS結合を還元したチオール体等)が挙げられる。さらにトリコスタチンA、酪酸ナトリウム、suberoylanilide hydroxamic acid(SAHA)、MS-275、Cyclic hydroxamic-acid-containing peptide、Apicidin、Trapoxin等もヒストンデアセチラーゼ阻害活性が報告されている化合物である。

化合物 A は、不斉炭素原子および二重結合に基づく光学異性体または幾何異性体等の立体異性体を有することがあるが (例えば FK 2 2 8)、これらすべての異

性体及びそれらの混合物もこの発明において用いられるヒストンデアセチラーゼ 阻害剤の範囲に含まれる。

さらに、化合物 A、FK228またはそれらの塩の溶媒和化合物(例えば包接化合物(例えば水和物等))もこの発明の範囲に含まれる。

5 本明細書中、特に断りのない限り、単に化合物 A という場合には式(II)で表される化合物(FK228)も含む、立体異性を問わない化合物群を意味する。

化合物 A またはその塩は、公知の物質であり、入手可能である。例えば、化合物 A の立体異性体の一つである FK 2 2 8 は、それを生産しうるクロモバクテリウム属に属する菌株を好気性条件下に培養、当該培養ブロスから当該物質を回収す

- 10 ることによって得ることができる。FK228を生産しうるクロモバクテリウム属に属する菌株としては、例えばクロモバクテリウム・ビオラセウムWB968(FERM BP-1968)が挙げられる。FK228はより具体的には特公平7-64872号(対応米国特許4977138号)公報に記載のとおりにして当該生産菌から得ることができる。FK228は、より容易に入手できるという点で、
- 15 FK228を生産しうるクロモバクテリウム属に属する菌株からの回収が好ましいが、さらなる精製工程が不要あるいは少なくてすむという点で、合成あるいは半合成のFK228もまた有利である。同様にFK228以外の化合物Aについても、従来公知の方法により半合成、全合成することができる。より具体的にはKhan W. Li, らによって報告されている方法(J. Am. Chem. Soc., vol. 118, 7237-7238 (1996))

20 に準じて製造することができる。

化合物 A の塩としては、無機塩基との塩(例えばナトリウム塩、カリウム塩等のアルカリ金属塩、カルシウム塩、マグネシウム塩等のアルカリ土類金属塩、アンモニウム塩)、有機塩基との塩(例えばトリエチルアミン塩、ジイソプロピルエチルアミン塩、ピリジン塩、ピコリン塩、エタノールアミン塩、トリエタノールアミン塩、ジシクロヘキシルアミン塩、N,N'ージベンジルエチレンジアミン塩等の有機アミン塩)、無機酸付加塩(例えば塩酸塩、臭化水素酸塩、硫酸塩、リン酸塩等)、有機カルボン酸・スルホン酸付加塩(例えばギ酸塩、酢酸塩、トリフ

ルオロ酢酸塩、マレイン酸塩、酒石酸塩、フマル酸塩、メタンスルホン酸塩、ベンゼンスルホン酸塩、トルエンスルホン酸塩等)、塩基性あるいは酸性アミノ酸(例えばアルギニン、アスパラギン酸、グルタミン酸等)との塩等の、塩基との塩または酸付加塩が挙げられる。

5 本発明において、インビボ、インビトロとは通常、当分野で用いられている用語どおりであり、すなわち、「インビボ」とは、対象とする生体の機能や反応が生体内で発現される状態を意味し、「インビトロ」とは当該機能や反応が試験管内(組織培養系、細胞培養系、無細胞系等)で発現されることを意味する。

本発明のヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を予測する指標となり得 10 る遺伝子を得る方法は、少なくとも以下の工程を含む。

①腫瘍細胞に対して、インビボにおけるヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を調べ、当該腫瘍細胞について、該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤に対して感受性を有する細胞種(感受性腫瘍細胞)と抵抗性を有する細胞種(抵抗性腫瘍細胞)とに分類する工程、および

- 15 ②上記工程①で分類された感受性腫瘍細胞ならびに抵抗性腫瘍細胞のそれぞれに おいて、その遺伝子発現様式を調べて、さらに
 - (i) 感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、あるいは
- (i i) 感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子 20 を選択する工程。

本発明において使用する試験対象となる腫瘍細胞(以下、単に試験細胞とも称する)としては、ヒストンデアセチラーゼを有する細胞であれば特に限定されないが、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果、特に該阻害剤の腫瘍部位特異性を評価することも本発明の課題の一つであることから、使用する試験細胞は、

25 その効果を調べたい腫瘍由来の細胞であることが好ましい。例えば、前立腺癌への効果を評価する場合には、ヒト前立腺培養癌細胞であるPC-3細胞等が用いられ、腎臓癌への効果を評価する場合には、ヒト培養腎臓癌細胞であるACHN

細胞等が用いられる。これらの癌細胞を含め試験細胞として使用する各種培養ヒト癌細胞は、市販されているかあるいは、種々の細胞バンク等から入手可能である。また、長期的な治療効果、あるいは個々の患者に対する有効性、すなわちオーダーメイド医療を鑑みる上で、患者の腫瘍から得られる癌細胞を培養し、当該癌5 細胞を試験細胞として用いることも可能である。

腫瘍細胞に対して、インビボにおけるヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍 効果を調べる工程は、例えば以下のような手順で行う。

まず、試験対象となる腫瘍細胞をマウス、ラット、ウサギ、ハムスター、モルモット等の試験動物に移植して実験的に腫瘍を形成させる系を作製する。かかる 10 系において、腫瘍移植後にヒストンデアセチラーゼ阻害剤を投与し腫瘍の増殖率を測定することによってヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を評価する。 増殖率の測定は簡便には形成される腫瘍のサイズを測定することにより行う。

試験動物への腫瘍細胞の移植は当分野で通常行われているようにして実施することができる。例えばヌードマウスで継代増殖させた固形腫瘍の一部をマウスに15 移植する方法が挙げられる。また、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の投与も通常、その抗腫瘍効果を期待して投与されるのと同様な量が、同様な方法で投与され得る。即ち、腹腔内、静脈内、筋肉内または経口投与による適用が挙げられ、また、投与量は投与すべき試験動物の種類、体重、移植した癌の種類によっても異なるが、通常マウスに静脈内投与する場合であれば、1 mg/kg~5 mg/kg程20 度を投与する。

また、試験動物への投与を目的として、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤を溶液にする場合の溶媒はヒストンデアセチラーゼ阻害剤を溶解することが可能で、且つ、試験対象となる腫瘍細胞あるいは試験動物に対し毒性を示さない限り特に制限はなく、通常、エタノール、PEG400、10%HCO-60溶液、ジメチルスルホキシド等、およびそれらの混合溶媒等で濃縮液を調製してから、生理食塩水等の生理的緩衝液で所望の濃度に希釈して使用する。

所定のヒストンデアセチラーゼ阻害剤をある任意の投与量投与した場合に、増

殖抑制率が70%以上(好ましくは80%以上)の強い増殖抑制効果が認められた腫瘍細胞を、そのヒストンデアセチラーゼ阻害剤に対する「感受性腫瘍細胞」に、増殖抑制率が30%以下(好ましくは20%以下)の弱い増殖抑制効果が認められた腫瘍細胞を、そのヒストンデアセチラーゼ阻害剤に対する「抵抗性腫瘍5 細胞」に、それぞれ分類する。

例えばヒストンデアセチラーゼ阻害剤が化合物 A の場合、化合物 A 感受性腫瘍 細胞と化合物 A 抵抗性感受性細胞とに分類する。

化合物 A 感受性腫瘍細胞とは、化合物 A によって前述の基準による腫瘍細胞の強い増殖抑制効果が認められるタイプの腫瘍細胞をいい、例えば、後述する実施10 例からも示されるように前立腺癌細胞 P C - 3 が挙げられる。また、他に胃癌の細胞である S C - 6 も化合物 A 感受性腫瘍細胞の1種である。一方化合物 A 抵抗性腫瘍細胞とは、前述の基準による化合物 A による腫瘍細胞の弱い増殖抑制効果しか認められないタイプの腫瘍細胞をいい、例えば、後述する実施例からも示されるように腎臓癌細胞A C H N が挙げられる。また、他に腎臓癌細胞である A 4 9 8 も化合物 A 抵抗性腫瘍細胞の 1種である。

分類された感受性腫瘍細胞ならびに抵抗性腫瘍細胞のそれぞれにおいて、その遺伝子発現様式を調べて、さらに(i)感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、あるいは(ii)感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子(以下、当該遺伝子を総称して、抗腫瘍効果予測遺20 伝子とも称する)を選択する工程は、本明細書中に記載される各技術ならびに当分野で通常実施される方法を用いて行うことができる。好ましくは、一度に大量の遺伝子の発現様式が解析できるという利点から遺伝子チップを用いた技術を用いる。

腫瘍細胞における抗腫瘍効果予測遺伝子の発現様式を解析することは、ヒスト 25 ンデアセチラーゼ阻害剤を患者に投与することなくインビトロの試験によって該 ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効を予測する有力な手段となり得る。

本発明は、抗腫瘍効果予測遺伝子の発現量を少なくとも1種、好ましくは2種

以上の腫瘍細胞において調べることを特徴とするヒストンデアセチラーゼ阻害剤 の抗腫瘍効果を予測する方法を提供する。

遺伝子の発現様式を解析する方法もまた、当分野で通常実施される方法を用いて行うことができる。例えば以下のような手順が挙げられる。

5 (1) 試験対象となる腫瘍細胞から遺伝子、特にmRNA、または蛋白質を抽出 する。

かかる工程は、通常当分野で用いられる方法によって行うことができ、また、 必要な試薬等を含めたキットも利用することができる。腫瘍細胞からの遺伝子あ るいは蛋白質の抽出は、適当にコンフルエントになった腫瘍細胞から抽出しても 10 よいが、より多量に抽出できるので、マウス等の動物で継代し、さらに移植・増 大させた腫瘍片から抽出することが好ましい。

(2)特定の遺伝子(または特定の蛋白質)に特異的に親和性を有する物質を用いて、該特定の遺伝子(または特定の蛋白質)の存在を検出する。ここで、特定の遺伝子(または特定の蛋白質)としては、上記したヒストンデアセチラーゼ阻 15 害剤の薬効予測の指標となり得る遺伝子あるいは、該遺伝子がコードする蛋白質であり、具体的には後述する表1~3に挙げられる遺伝子である。

本発明において測定する特定の遺伝子(または特定の蛋白質)は、1種類の測定でも充分に有用であるが、より詳細な抗腫瘍効果を知る必要がある場合には、2種以上の特定の遺伝子(または特定の蛋白質)を同時に測定することが好ましい。より好ましくは、感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子の群、あるいは感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子の群の、それぞれの群から少なくとも1種ずつの発現を解析することが好

特定の遺伝子または特定の蛋白質に特異的に親和性を有する物質としては、そ 25 れらの試験細胞中での発現が検出できる程度の感度を有するものであれば特に制 限されない。ここで、「特異的親和性」とは目的の遺伝子または蛋白質にのみハイ ブリダイズまたは結合する性質を意味する。特定の遺伝子を検出するための当該

ましい。

物質としては、当該遺伝子の全部もしくは一部に完全相補的なものか、もしくは 上記性質を満たす範囲で1乃至数個のミスマッチを含んでいるものが挙げられる。 具体的には当該遺伝子の塩基配列の全部もしくは一部、ならびにそれらの相補配 列を含むオリゴまたはポリヌクレオチド等が挙げられ、検出すべき遺伝子の形態 5 に応じて適宜選択する。かかる物質は当該遺伝子との特異的親和性を有している 限りはその由来は特に限定されず、合成されたものであっても、当該遺伝子から 必要な部分を切り出し、通常行なわれる方法によって精製されたものであっても よい。これらはまた蛍光物質、酵素やラジオアイソトープ等で標識されていても よい。特定の蛋白質を検出するための当該物質としては、例えば当該蛋白質に特 10 異的親和性を有する抗体またはその断片が挙げられ、その特異的親和性とは抗原・ 抗体反応により該蛋白質を特異的に認識し、結合する能力のことである。該抗体 またはその断片は、当該蛋白質と特異的に結合可能なものであれば特に限定され ず、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体およびそれらの機能的断片のいず れであってもよい。これらの抗体あるいはその機能的断片は、通常当分野で行な 15 われている方法によってつくられる。これらの抗体またはその断片は、蛍光物質、 酵素やラジオアイソトープ等で標識されていてもよい。

試験細胞からの遺伝子、特にmRNAの抽出、ならびに蛋白質の抽出は、当分野で通常実施されている方法を用いて、また適宜組み合わせて実施することができる。mRNAを抽出した場合には、上記した特定の遺伝子に特異的親和性を有20 する物質を用いてノザンブロット、RT-PCR法等の当分野で通常行なわれる手法を用いてその発現様式を調べる。一方、蛋白質を抽出した場合には、上記した特定の蛋白質に特異的親和性を有する物質(抗体またはその断片等)を用いてイムノブロット、ウエスタンブロット等の当分野で通常行なわれる手法を用いてその発現様式を調べる。

25 また、当該遺伝子の発現様式の解析は、上述の方法に加え、好ましくは、一度 に大量の遺伝子の発現様式が解析できるという利点から遺伝子チップを用いた技 術を用いる。

抗腫瘍効果予測遺伝子の発現様式を解析することにより、試験したヒストンデアセチラーゼ阻害剤が試験した腫瘍細胞に効果的に抗腫瘍活性を示すか否かを予測することができる。例えば感受性腫瘍細胞の方が抵抗性腫瘍細胞に比べて発現が2倍以上高い遺伝子群(抗腫瘍効果予測遺伝子A)ならびに抵抗性腫瘍細胞の5方が感受性腫瘍細胞に比べて発現が2倍以上高い遺伝子群(抗腫瘍効果予測遺伝子A)ならびに抵抗性腫瘍細胞の5方が感受性腫瘍細胞に比べて発現が2倍以上高い遺伝子群(抗腫瘍効果予測遺伝子B)に分類した場合、抗腫瘍効果予測遺伝子Aの発現が高い腫瘍細胞、および/または抗腫瘍効果予測遺伝子Bの発現が低い腫瘍細胞に対しては、当該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果が期待できる。

また、遺伝子チップを用いる場合には、以下のような操作を行って薬効を予測 10 することができる。

- 1. 化合物 A 投与前の癌患者から腫瘍組織の一部を採取する。
- 2. 腫瘍組織よりRNAを抽出する。
- 3. 抽出したRNAより、cDNAの合成、cRNAの合成、cRNAの断片化を行なう。
- 15 4. 遺伝子チップでハイブリダイゼーションを行なう。
 - 5. 遺伝子チップを洗浄、染色し、スキャンする。
 - 6. 感受性腫瘍の薬効予測候補遺伝子群の発現パターン*)との相同性を検討する (*) 解析画面において、発現量が高い遺伝子(normalized data が1以上)は赤、発現量が低い遺伝子(normalized data が1未満)は青で表示される)。
- 20 7. 相同性が高い腫瘍ほど薬効発現の可能性が高いと判断する。

臨床的に腫瘍細胞を患者から採取したものを試験細胞として用いた場合には、 個々の患者による個体特異性をも反映した抗腫瘍効果の予測が可能となる。

本発明では、上述したようなヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果の評価方法を利用して、腫瘍の部位(種類)特異的な抗腫瘍活性を有するヒストンデ アセチラーゼ阻害剤のスクリーニング方法を提供することができる。対象となる腫瘍由来の試験細胞を用い、また、その効果を調べようとするヒストンデアセチ

ラーゼ阻害剤で処理し、上述の方法に従ってその抗腫瘍効果の有無を調べること

により、個々の阻害剤の腫瘍の部位特異性を判断することができる。

実施例

以下、本発明を実施例にて具体的且つ詳細に説明するが、本発明はこれらに何ら限定されるものではない。

5 実施例1

化合物 A 感受性腫瘍および化合物 A 抵抗性腫瘍の評価

(1) 薬剤調製

FK228を必要量計り、溶媒(10%HCO-60/saline)を加え、超音波をかけ溶解する。陽性対照物質パクリタキセルは、試験に先立って24mg/mLとなるよ10うCremophor EL/ethanol(1:1)液に溶解し、冷蔵保存した。用時、9倍量の生理食塩水を加えて希釈し2.4mg/mL(溶媒成分:5%Cremophor EL-5%ethanol-90%saline)とした。

(2) 実験動物

薬剤の抗腫瘍試験には、日本チャールスリバーより BALB/cANnNCrj-nu/nuマウ 15 ス(雄、6週齢)を購入し、一週間以上の馴化飼育の後、実験に用いた。マウス はSPF環境下飼育し、水と餌を自由に摂取させた。

(3) 実験腫瘍

ヒト培養腎臓癌細胞株1系(ACHN:ATCCより入手)、ヒト培養前立腺癌 細胞株1系(PC-3:ATCCより入手)を2~3×10⁷個ヌードマウス皮 20 下に移植し、増殖した固形腫瘍を3代以上継代後、実験に用いた。

(4) 実験移植および群分け

ヌードマウスで継代した固形腫瘍を、約3mm角の腫瘍組織片としてマウスの 右背部皮下に移植した。腫瘍移植後、腫瘍体積(1/2×長径×短径²)が10 0~300mm³に達した時点で、1群を6匹に、腫瘍のばらつきが無くなるよ 5 に群分けした。

(5) 投与

投与は群分け当日(DayO)に開始した。FK228投与群には4日毎に3回

(q4d×3)、FK228を静脈内投与した(3.2および1.8mg/kg)。陽性対照物質パクリタキセル投与群には5日間連続(qd×5)でパクリタキセルを静脈内投与した(24mg/kg)。対照群には、溶媒(10%HCO-60/saline)のみを投与した(q4d×3)。各投与液量は0.1mL/10g体重を投与日に測定した体重をもとに算出した。なお、FK228の3.2mg/kg/day(q4d×3)およびパクリタキセルの24mg/kg/day(qd×5)はそれぞれのMTD量である。

(6) 腫瘍サイズおよび体重の測定

腫瘍サイズ(長径、短径)および体重をDayOより週2回測定した。

10 (7) 抗腫瘍効果の評価

腫瘍の増殖程度は腫瘍増殖率(Relative Tumor Volume)により評価した。増殖抑制率は、DayOにおける腫瘍体積を1としたときの、それ以後の腫瘍体積の相対的割合で表した。

結果を図1に示す。FK228は3.2mg/kgの投与量でPC-3に強い抗 15 腫瘍作用を示した(図1(a))が、ACHN(図1(b))に対して抗腫瘍作用 を示さなかった。

実施例2

化合物 A 感受性腫瘍および化合物 A 抵抗性腫瘍の評価

〈材料・手順〉

20 (1) 実験材料

薬剤 化合物 A (FK 2 2 8)

投与量: 3. 2 m g/k g

投与容量:10mL/kg

溶媒:10% HCO-60/saline溶液

25 剤形:溶液(用時調製)

腫瘍細胞 ヒト前立腺癌 P C - 3 (腫瘍片 3 mm×3 mm/マウス 移植部位 s.c.)

ヒト胃癌SC-6;財団法人実験動物中央研究所より入手(腫瘍片 3 mm×3 mm×3 mm/マウス 移植部位 s.c.)

ヒト腎臓癌ACHN (腫瘍片 3mm×3mm×3mm/マウス 移植部位 s.c.)

5 ヒト腎臓癌A498;ATCCより入手 (腫瘍片 3mm×3mm×3mm×3mm/マウス 移植部位 s.c.)

継代動物 雄性 BALB c/ nu/nu

(2) 手順と結果

実施例1に示した方法によりヌードマウスの皮下に3mm角の腫瘍片(ヒト前10 立腺癌PC-3、ヒト胃癌SC-6、ヒト腎臓癌ACHNおよびヒト腎臓癌A498)を移植し、腫瘍体積がおよそ100~300mm³(長径9mm、短径8mm)になった時点でFK228 3.2mg/kgを静脈内に投与した場合の腫瘍増殖抑制率はそれぞれ98%、84%、20%および29%であった。この結果から、PC-3およびSC-6を化合物 A 感受性腫瘍、ACHNおよびA49158を化合物 A 抵抗性腫瘍とした。

実施例3

遺伝子チップによる化合物 A 感受性腫瘍ならびに化合物 A 抵抗性腫瘍における遺伝子発現様式の解析

実施例2でその感受性あるいは抵抗性が確認された腫瘍における遺伝子発現様 20 式を調べた。

(1) 実験材料

腫瘍細胞 ヒト前立腺癌 P C - 3 (腫瘍片 3 mm×3 mm×3 mm/マウス 移植部位 s.c.)

ヒト胃癌 S C - 6; 財団法人実験動物中央研究所より入手(腫瘍片 3 25 mm×3 mm/マウス 移植部位 s.c.)

ヒト腎臓癌ACHN (腫瘍片 3mm×3mm×3mm/マウス 移植部位 s.c.)

ヒト腎臓癌A498;ATCCより入手(腫瘍片 3mm×3mm×3mm/マウス 移植部位 s.c.)

継代動物 雄性 BALB c/ nu/nu

RNA抽出 RNeasy Mini Kit (50) (Qiagen)

5 RNase, DNase free water (Life Technologies)

DNA合成 Superscript Choice System (Life Technologies)

エタチンメイト (ニッポンジーン)

T7-(dT)24 Primer (Amersham Pharmacia)

cRNA合成 BioArray RNA Transcript Labeling Kit (Amersham Pharmacia)

10 cRNA断片化 Trizma Base (SIGMA)

氷酢酸 (SIGMA)

酢酸マグネシウム(SIGMA)

酢酸カリウム(SIGMA)

ハイブリダイゼーション Eukaryotic Hybridization Control Kit (Amersham 15 Pharmacia)

0.5M EDTA solution (SIGMA)

MES Sodium Salt (SIGMA)

MES Free Acid Monohydrate (SIGMA)

Herring Sperm DNA (Promega)

Acetylated Bovine Serum Albumin Soln. (Life

Technologies)

20

使用 chip HuGene FL アレイ (Amersham Pharmacia)

(2) 細胞調製とRNA抽出

ヌードマウスの皮下に3mm角の腫瘍片(ヒト前立腺癌PC-3、ヒト胃癌S 25 C-6、ヒト腎臓癌ACHNおよびヒト腎臓癌A498)を移植し、腫瘍体積がおよそ100~300mm³(長径9mm、短径8mm)になった時点で腫瘍を 摘出し、RNeasy Mini Kit (50) (Qiagen)のプロトコルに従って全RNAを抽出し

た。RNAを定量し、電気泳動で確認した。

(3) cRNAの合成

GeneChip マニュアルの第2章〜第4章、RNeasy Mini Kit および RNA Transcript Labeling Kit のマニュアルに従い、RNAの精製、cDNAの合成、cRNAの 5 合成、cRNAの断片化を行った。

- (4) ハイブリダイゼーション、洗浄一染色、スキャンニング ハイブリダイゼーション、洗浄一染色、スキャンニングは GeneChip マニュアル の第5章~第7章に従って行った。
- (5)解析
- 10 GeneSpring (マイクロアレイデータ解析ソフト: Silicon Genetics 社製) を用いて解析を行った。

解析条件は以下の通りである。

解析条件

- ・Raw dataが少なくとも4つの腫瘍細胞のうち1つの腫瘍で100以上である。
- 15 ・化合物 A 感受性腫瘍間、または化合物 A 抵抗性腫瘍間の normalized data の差が 2 倍以内である。
 - ・化合物 A 感受性腫瘍と化合物 A 抵抗性腫瘍の normalized data の差が 2倍以上である。

結果、化合物 A 感受性腫瘍の方が化合物 A 抵抗性腫瘍より 2 倍以上発現が高い 20 遺伝子を 2 7 個 (表 1)、化合物 A 抵抗性腫瘍の方が化合物 A 感受性腫瘍より 2 倍 以上発現が高い遺伝子を 4 9 個 (表 2 ~ 3) 得た。

表1:化合物 A 感受性腫瘍 (Sensitive Tumor) で発現が高く化合物 A 抵抗性腫瘍 (Resistant Tumor)で発現が低い遺伝子

2 X12517_at small nuclear ribonucleoprotein polypeptide C 3 U43944_at malic enzyme 1, soluble 4 U52100_at epithelial membrane protein 2 5 U65579_at NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase) 6 X06272_at signal recognition particle receptor ('docking protein') 7 D42047_at The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1				
2 X12517_at small nuclear ribonucleoprotein polypeptide C 3 U43944_at malic enzyme 1, soluble 4 U52100_at epithelial membrane protein 2 5 U65579_at NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase) 6 X06272_at signal recognition particle receptor ('docking protein') 7 D42047_at The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1		Gene Accession No.		
malic enzyme 1, soluble 4 U52100_at epithelial membrane protein 2 5 U65579_at NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase) 6 X06272_at signal recognition particle receptor ('docking protein') 7 D42047_at The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 histone deacetylase 1	1	L11005_at	aldehyde oxidase 1	
4 U52100_at epithelial membrane protein 2 5 U65579_at NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase) 6 X06272_at signal recognition particle receptor ('docking protein') 7 D42047_at The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	2	X12517_at	small nuclear ribonucleoprotein polypeptide C	
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase) KNADH-coenzyme Q reductase) Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Q reductase) Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Q reductase) Nath-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Reductase) Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nath-coenzyme Called to mouse glycerophosphate debydrogenase. Nadh-coenzyme Called to mouse glycerophosphate Nath-coenzyme Called to mouse glycerophosphate Nath-coenzyme Called to mouse glycerophosphate Nath-coenzyme (150kD), halion (165kD), hali	3_	U43944_at	malic enzyme 1, soluble	
(NADH-coenzyme Q reductase) 6 X06272_at signal recognition particle receptor ('docking protein') 7 D42047_at The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1	4_	U52100_at	epithelial membrane protein 2	
signal recognition particle receptor ('docking protein') The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. B D90086_at	5	U65579_at	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD)	
The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD N=ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (KindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1			(NADH-coenzyme Q reductase)	
dehydrogenase. 8 D90086_at pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1	6	X06272_at	signal recognition particle receptor ('docking protein')	
9 U61734_s_at 9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rnal_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	7	D42047_at	The ha3662 gene product is related to mouse glycerophosphate	
9 U61734_s_at 10 J03798_at small nuclear riboprotein Sm-D 11 X05299_at centromere protein B (80kD) 12 L34155_at laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 W21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	1		dehydrogenase.	
small nuclear riboprotein Sm-D centromere protein B (80kD) laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) daspase 9, apoptosis-related cysteine protease HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma lu60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) Vu10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. The ha0919 gene product is novel. Ju4823_rnal_at cytochrome c oxidase subunit VIII M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1	8	D90086_at	pyruvate dehydrogenase (lipoamide) beta	
centromere protein B (80kD) 12 L34155_at	9	U61734_s_at		
laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD), epilegrin) (aspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1	10	J03798_at	small nuclear riboprotein Sm-D	
epilegrin) 13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1	11	X05299_at		
13 U60521_at caspase 9, apoptosis-related cysteine protease 14 Y10807_s_at HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2 15 U44754_at small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	12	L34155_at	laminin, alpha 3 (nicein (150kD), kalinin (165kD), BM600 (150kD),	
HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)—like 2 small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma lour U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) Mamage-specific DNA binding protein 1 (127kD) RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs u41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. The ha0919 gene product is novel. J04823_rnal_at cytochrome c oxidase subunit VIII M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 hexabrachion (tenascin C, cytotactin) histone deacetylase 1				
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD 16 U78107_at N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	13	U60521_at	caspase 9, apoptosis-related cysteine protease	
N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma 17 U60644_at similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	14	Y10807_s_at	HMT1 (hnRNP methyltransferase, S. cerevisiae)-like 2	
similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	15	U44754_at	small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kD	
p37 (HindIII F13L ORF) 18 U32986_s_at damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	16			
damage-specific DNA binding protein 1 (127kD) 19 D59253_at RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem CTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	17	U60644_at	similar to Vaccinia virus HindIII K4L ORF, and to Vaccinia virus	
RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs 20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	\		p37 (HindIII F13L ORF)	
20 U41767_s_at a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin) 21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	18	U32986_s_at	damage-specific DNA binding protein 1 (127kD)	
21 U10550_at Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds. 22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	19	D59253_at	RNA-binding protein that has two RNP consensus motifs	
22 D38521_at The ha0919 gene product is novel. 23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	20	U41767_s_at	a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin)	
23 J04823_rna1_at cytochrome c oxidase subunit VIII 24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	21	U10550_at	Source: Human Gem GTPase (gem) mRNA, complete cds.	
24 M21154_at S-adenosylmethionine decarboxylase 1 25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	22	D38521_at	The ha0919 gene product is novel.	
25 X78565_at hexabrachion (tenascin C, cytotactin) 26 D50405_at histone deacetylase 1	23	J04823_rna1_at	cytochrome c oxidase subunit VIII	
26 D50405_at histone deacetylase 1	24	M21154_at	S-adenosylmethionine decarboxylase 1	
26 D50405_at histone deacetylase 1	25	X78565_at	hexabrachion (tenascin C, cytotactin)	
	_		histone deacetylase 1	
21 NV4500_at [calpain, large polypeptide bi		X04366_at	calpain, large polypeptide L1	

表 2~3:化合物 A 感受性腫瘍 (Sensitive Tumor) で発現が低く化合物 A 抵抗性腫瘍(Resistant Tumor)で発現が高い遺伝子

表2:

1 U 2 M 3 J 4 L 5 J 6 L 7 M 8 H 9 X 10 M 11 H 11 H 12 D	Gene Accession No. J84487_at J84487_at J833600_f_at J83474_at J84564_at J85428_at J85878_at J85878_at J87241_at	Description small inducible cytokine subfamily D (Cys-X3-Cys), member 1 (fractalkine, neurotactin) major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 amyloid A precursor Ras-related associated with diabetes UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4 very low density lipoprotein receptor
2 M 3 J 4 L 5 J 6 L 7 M 8 H 9 X 10 M 11 H 12 D	133600_f_at 103474_at 103474_at 105428_at 105428_at 103840_s_at 135878_at 104318-HT4588_s_at 187241_at 159807_at 102379-HT3996_s_at 116532_at	(fractalkine, neurotactin) major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 amyloid A precursor Ras-related associated with diabetes UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
3 July 1 Line 1	103474_at .24564_at 105428_at .03840_s_at .03840_s_at .03840_s_at .04318-HT4588_s_at .04318-HT4588_s_at .087241_at .059807_at .02379-HT3996_s_at .06532_at	major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 amyloid A precursor Ras-related associated with diabetes UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
3 July 1 Line 1	103474_at .24564_at 105428_at .03840_s_at .03840_s_at .03840_s_at .04318-HT4588_s_at .04318-HT4588_s_at .087241_at .059807_at .02379-HT3996_s_at .06532_at	amyloid A precursor Ras-related associated with diabetes UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
4 L.: 5 J0 6 L0 7 M: 8 H0 9 X8 10 M5 11 H0 12 D1	.24564_at .05428_at .03840_s_at .03840_s_at .03840_s_at .04318-HT4588_s_at .059807_at .059807_at .059807_at .059807_at	Ras-related associated with diabetes UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
5 JG 6 LG 7 M3 8 HG 9 X8 11 HG 12 D1	05428_at .03840_s_at .03840_s_at .03840_s_at .03840_s_at .04318-HT4588_s_at .087241_at .059807_at .062379-HT3996_s_at .06532_at	UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B7 fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
6 L0 7 M3 8 H0 9 X8 10 M8 11 H0 12 D1	.03840_s_at .03840_s_at .035878_at .04318-HT4588_s_at .087241_at .059807_at .02379-HT3996_s_at .06532_at	fibroblast growth factor receptor 4 insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
7 M3 8 H0 9 X8 10 M5 11 H0 12 D1	35878_at G4318-HT4588_s_at 87241_at 59807_at G2379-HT3996_s_at 16532_at	insulin-like growth factor binding protein 3 FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
8 HO 9 X8 10 MS 11 HO 12 D1	G4318-HT4588_s_at 87241_at 59807_at G2379-HT3996_s_at 16532_at	FAT tumor suppressor (Drosophila) homolog natural killer cell transcript 4
9 X8 10 M5 11 H0 12 D1	87241_at 59807_at G2379-HT3996_s_at 16532_at	natural killer cell transcript 4
10 MS 11 HC 12 D1	59807_at G2379-HT3996_s_at 16532_at	natural killer cell transcript 4
11 HO 12 D1	G2379-HT3996_s_at 16532_at	
12 DI	16532_at	very low density lipoprotein receptor
		very low density lipoprotein receptor
13 103	37546_s_at	
100		apoptosis inhibitor 1
14 X7	72889_at	Source: H. sapiens hbrm mRNA.
15 UE		cyclin Al
16 22	23090_at	heat shock 27kD protein 1
17 U1	16031_at	signal transducer and activator of transcription 6,
		interleukin-4 induced
18 D8	64110_st	alternative splicing (see also D84107-D84111)
19 M5	55998_s_at	·
20 D2	28124_at	neuroblastoma candidate region, suppression of tumorigenicity
	i	1
21 HG	G3548-HT3749_at	
22 X8	36809_at	phosphoprotein enriched in astrocytes 15
23 M7		promyelocytic leukemia
24 M5	59465_at	tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endothelial)
25 HG	G2379-HT3997_s_at	
		ELK3, ETS-domain protein (SRF accessory protein 2) NOTE: Symbol
	i	and name provisional.
27 U4	1654_at	putative GTP-binding protein, homolog of small GTPase family
		members
28 U7		Source: Human interferon-induced leucine zipper protein
-	\$ ·	(IFP35) mRNA, partial cds.

表3:

10

29	U72649_at	rat PC3 and murine TIS21 genes homolog
30	U47621_at	
31	L22214_at	adenosine Al receptor
32	U68494_at	Source: Human hbc647 mRNA sequence.
33	X69699_at	paired box gene 8
34	X63717_at	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6
35	U04285_s_at	
36	L38969_at	Source: Homo sapiens thrombospondin 3 (THBS3) mRNA, complete
) :		cds.
37	Y10032_at	Source: H. sapiens mRNA for putative serine/threonine protein
l _		kinase.
38	L48513_at	paraoxonase 2
39	U89942_at	lysyl oxidase-like 2
40	Z12173_at	glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase (Sanfilippo disease IIID)
41	U59423_at	Sma and Mad homolog
42	X68277_at	dual specificity phosphatase 1
43	U45878_s_at	HIAP-1
44	L08187_at	
45	X71874_cds1_at	proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 10
46	D50863_at	testis-specific kinase 1
47	X91911_s_at	
48	U65011_at	encodes tumor antigen recognized by cytolytic T lymphocytes
49	U90313_at	glutathions-S-transferase like

産業上の利用可能性

5 本発明の方法によって得られるヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効、特に抗腫瘍効果の指標となり得る遺伝子は、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効との相関性、ならびに該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤への感受性あるいは抵抗性との相関性が示唆される遺伝子であり、これらの遺伝子がヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効予測マーカーとして利用できる可能性が示された。

配列表フリーテキスト

配列番号1: Xaaは式 NH_2C ($CHCH_3$)COOHで表されるアミノ酸である。

式COOHCH $_2$ CH (CHCHC $_2$ H $_4$ SH) OHのカルボキシル基が1番目のアミノ酸であるValのアミノ基と結合し、水酸基が4番目のアミノ酸であるValのカルボキシル基と結合し、SH基が2番目のアミノ酸であるCysのSH基とジスルフィド結合している。

5

本出願は、日本で出願された特願2003-041790を基礎としており、 それらの内容は本明細書に全て包含されるものである。

請求の範囲

1. ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の薬効予測の指標となり得る遺伝子を得る方法であって、少なくとも、

5 ①腫瘍細胞に対して、インビボにおけるヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を調べ、当該腫瘍細胞について、該ヒストンデアセチラーゼ阻害剤に対して感受性を有する細胞種(感受性腫瘍細胞)と抵抗性を有する細胞種(抵抗性腫瘍細胞)とに分類する工程、および

①上記工程②で分類された感受性腫瘍細胞ならびに抵抗性腫瘍細胞のそれぞれに 10 おいて、その遺伝子発現様式を調べて、さらに

- (i) 感受性腫瘍細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、あるいは
- (ii) 感受性腫瘍細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子を選択する工程
- 15 を含む方法。
 - 2. ヒストンデアセチラーゼ阻害剤が、以下の化学式 (I):

で表される化合物であるかまたはその医薬上許容し得る塩である、請求の範囲 1 20 に記載の方法。

3. 腫瘍細胞が前立腺癌、胃癌、または腎臓癌由来のものである、請求の範囲1または2に記載の方法。

- 4. 請求の範囲1に記載の方法で得られた少なくとも1つの遺伝子の発現量を、
- 5 少なくとも1種の腫瘍細胞において調べることを特徴とする、ヒストンデアセチ ラーゼ阻害剤の抗腫瘍効果を予測する方法。
 - 5. ヒストンデアセチラーゼ阻害剤が、以下の化学式 (I):

- 10 で表される化合物であるかまたはその医薬上許容し得る塩である、請求の範囲 4 に記載の方法。
 - 6. 少なくとも1つの遺伝子が、感受性細胞で発現が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子である、請求の範囲4または5に記載の方法。

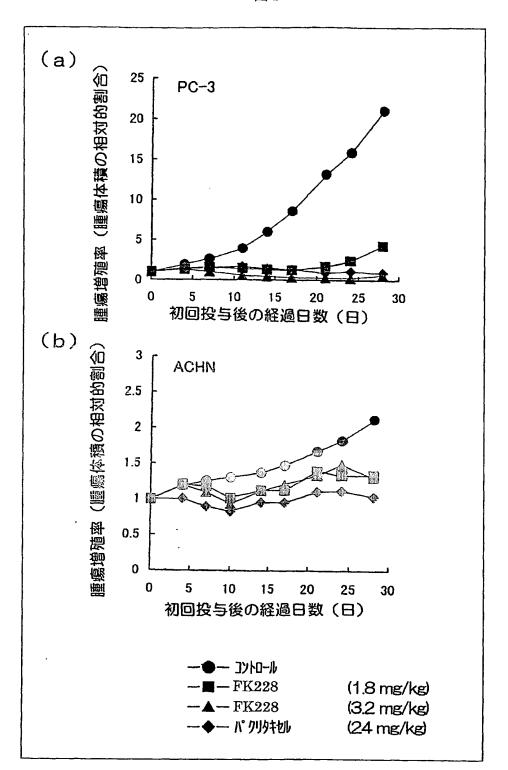
15

- 7. 少なくとも1つの遺伝子が、感受性細胞で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子である、請求の範囲4または5に記載の方法。
- 8. 請求項の範囲1に記載の方法で得られた少なくとも1つの感受性細胞で発現 20 が高く抵抗性腫瘍細胞で発現が低い遺伝子、および少なくとも1つの感受性細胞

で発現が低く抵抗性腫瘍細胞で発現が高い遺伝子の発現量を、少なくとも1種の 腫瘍細胞において調べることを特徴とする、ヒストンデアセチラーゼ阻害剤の抗 腫瘍効果を予測する方法。

5 9. 腫瘍細胞が前立腺癌、胃癌、または腎臓癌由来のものである、請求の範囲 4 ~8 のいずれかに記載の方法。

図1



SEQUENCE LISTING

<110> FUJISAWA PHARMACEUTICAL CO., LTD.

<120> Prediction-method for anti-tumor effect of histone deacetylase inhibitor

<130> 09608

<150> JP 2003-041790

<151> 2003-02-19

<160> 1

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 4

<212> PRT

<213> Chromobacterium sp.

<220>

<221> SITE

<222> (3)

<223> Xaa is an amino acid represented by the formula NH₂C (CHCH₃) COOH.

<221> SITE

<222> (1), (2), (4)

<223> In the formula COOHCH₂CH(CHCHC₂H₄SH)OH, the carboxylic group is bonded with the amino group of the first amino acid Val, the hydroxyl group is bonded with the carboxylic group of the fourth amino acid Val, and the SH group is bonded with the SH group of the second amino acid Cys via a disulfide bond.

<400> 1

Val Cys Xaa Val 4

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/001419

A. CLASSIFIC Int.Cl	CATION OF SUBJECT MATTER 7 C12N15/10		2004/001419
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC			
B. FIELDS SE			
Minimum docur Int.Cl	nentation searched (classification system followed by C12N15/00-15/90	classification symbols)	
	searched other than minimum documentation to the ex		•
CA (STN	pase consulted during the international search (name of), REGISTRY (STN), MEDLINE (STN)	f data base and, where practicable, search , BIOSIS (STN), WPIDS (ST	terms used) 'N)
C. DOCUMEN	NTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where a	appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	WO 02/06307 A1 (Fujisawa Ph. Ltd.), 24 January, 2002 (24.01.02), & EP 1302476 A1	armaceutical Co.,	1-9
Y	SASAKAWA Y. et al., Effects histone deacetylase inhibito U-937 cells in vitro and in Pharmacology, 2002, Vol.64,	r, on human lymphoma vivo., Biochemical	1-9
Y	ZHENG X. et al., Gene expres defferentiation in HL-60 cel analysis., Nucleic Acid Rese No.20, pages 4489 to 4499	ls by DNA microarray	1-9
	<u> </u>		
	cuments are listed in the continuation of Box C.	See patent family annex.	
"A" document de to be of parti "E" earlier applie filing date "L" document wicited to estal special reason "O" document ref "P" document pul	to be of particular relevance "E" earlier application or patent but published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means		cation but cited to understand invention claimed invention cannot be idered to involve an inventive claimed invention cannot be step when the document is a documents, such combination e art
30 Marc	Date of the actual completion of the international search 30 March, 2004 (30.03.04) Date of mailing of the international search report 13 April, 2004 (13.04.04)		ch report
	Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office Authorized officer		
Facsimile No.	(second sheet) (January 2004)	Telephone No.	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP2004/001419

Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevan	nt passages	Relevant to claim No.
IIZAKI M. et al., Expressiona profile anal of colon cancer cells in response to sulin	ysis dac	1-9
·	·	
	•	
		·
	•	
	IIZAKI M. et al., Expressiona profile anal of colon cancer cells in response to sulir or aspirin., Biochem.Biophys.Res.Commun.,	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages IIZAKI M. et al., Expressiona profile analysis of colon cancer cells in response to sulindac or aspirin., Biochem.Biophys.Res.Commun., 2002,

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/001419

Bo	x No.	I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item1.b of the first sheet)	
1.	With	regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed tion, the international search was carried out on the basis of:	i
	a.	type of material a sequence listing table(s) related to the sequence listing	
	b.	format of material in written format in computer readable form	
	c.	time of filing/furnishing contained in the international application as filed filed together with the international application in computer readable form furnished subsequently to this Authority for the purposes of search	
2.	×	In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.	
. 3.	Add	ional comments:	

A. 発明の属する分野の分類(国際特許分類(IPC)) Int. Cl' C12N15/10			
B. 調査を行			
調査を行った。	最小限資料(国際特許分類(IPC))		
Int. Cl' Cl	2N15/00-15/90		
最小限資料以外	外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
		,	
国際調査で使用	用した電子データベース (データベースの名称、	調査に使用した用語)	
	GISTRY (STN), MEDLINE (STN), BIOSIS (STN), WPI		
この関連する	7 1.6Duk と ね ア ナナね		
C. 関連する	ると認められる文献		関連する
カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連すると	さは、その関連する箇所の表示	請求の範囲の番号
Y	W0 02/06307 A1 (藤沢薬品工業株式会社	2002. 01. 24	1-9
	& EP 1302476 A1		
Y	SASAKAWA Y. et al., Effects of FK228	, a novel histone deacetylase	1–9
	inhibitor, on human lymphoma U-937 o		
	Biochemical Pharmacology, 2002, Vol.	64, p. 1079–1090	
区欄の続	l きにも文献が列挙されている。		4π +, ±> ππ
			承在参照。
* 引用文献の	のカテゴリー 車のある文献ではなく、一般的技術水準を示す	の日の後に公表された文献 「T」国際出願日又は優先日後に公表	された文献であって
60		出願と矛盾するものではなく、	
	「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日 の理解のために引用するもの 以後に公表されたもの 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発り		
「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行の新規性又は進歩性がないと考えられるもの			えられるもの
日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1リ 文献(理由を付す) 上の文献との、当業者にとって自明である組合せり			
「〇」口頭に	「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献よって進歩性がないと考えられるもの		
「P」国際出	「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願 「&」同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 30.03.2004 国際調査報告の発送日 13.4.2004		2004	
国際關査機関の名称及びあて先 特許庁審査官(権限のある職員) 4 N 3 0 3 7			4N 3037
	日本国特許庁 (ISA/JP)		
東京都千代田区段が関三丁目4番3号		電話番号 03-3581-1101	内線 3488

国際出願番号 PCT/JP2004/001419

		ESCHAGE PC1/JP20	04/001419
C (続き). 引用文献の	関連すると認められる文献		
カテゴリー*	一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一一		関連する 請求の範囲の番号
Y .	ZHENG X. et al., Gene expression of TPA HL-60 cells by DNA microarray analysis. Nucleic Acid Research, 2002, Vol. 30, No.	induced differentiation in	1-9
Y	IIZAKA M. et al., Expression profile and s in response to sulindac or aspirin., In., 2002, Vol. 292, p. 498-512	alysis of colon cancer cell Biochem. Biophys. Res. Commu	1-9
### T D C T ()			

第I橌 ヌクレオチドス	【はアミノ酸配列(第1ページの1.bの続き)	
 この国際出願で開示されかつ請求の範囲に係る発明に必要なヌクレオチド又はアミノ酸配列に関して、 以下に基づき国際調査を行った。 		
a. タイプ	区配列表	
	配列表に関連するテーブル	
b. フォーマット	書面	
	区 コンピュータ読み取り可能な形式	
c . 提出時期	出願時の国際出願に含まれる	
	区 この国際出願と共にコンピュータ読み取り可能な形式により提出された	
	□ 出願後に、調査のために、この国際調査機関に提出された	
2. × さらに、配列表 した配列が出願 出があった。	を又は配列表に関連するテーブルを提出した場合に、出願後に提出した配列若しくは追加して提出 国時に提出した配列と同一である旨、又は、出願時の開示を超える事項を含まない旨の陳述書の提	
3. 補足意見:		

THIS PAGE BLANK (USPTO